

FIGURE 180

CAGACTCCAGATTTCCCTGTCAACCACGAGGAGTCCAGAGAGGAAACGCGGAGCGGAGACAACAGTACCTGACGC
 CTCTTTTCCAGCCCGGATCGCCCCAGCAGGGATGGGCGACAAGATCTGGCTGCCCTTCCCCGTGCTCCTTTCTGGCC
 GCTCTGCCCTCCGGTGCCTGCTGCCCTGGGCGGCGCGCTTACACCTTCCCTCGATAGCGACTTACCTTTACCTTT
 CCCGCCGCCAGAAAGGAGTGCCTTCTACCAAGCCATGCCCTGAAGGCCTCGCTGGAGATCGAGTACCAAGTTTTA
 GATGGAGCAGGATTAGATATTGATTTCATCTTGCTCTCCAGAAGGCAAAACCTTAGTTTTTGAACAAAGAAAA
 TCAGATGGAGTTCACACTGTAGAGACTGAAGTTGGTGATTACATGTTCTGCTTTGACAATACATTACGACCATT
 TCTGAGAAGGTGATTTTCTTTGAATTAATCCTGGATAATATGGGAGAACAGGCACAAGAACAAGAAGATTGGAAG
 AAATATATTACTGGCACAGATATATTGGATATGAACTGGAAGACATCCTGGAATCCATCAACAGCATCAAGTCC
 AGACTAAGCAAAAGTGGGCACATACAAATTTCTGCTTAGAGCATTTGAAGCTCGTGATCGAAACATACAAGAAAGC
 AACTTTGATAGAGTCAATTTCTGGTCTATGGTTAATTTAGTGGTCATGGTGGTGGTGTGAGCCATTCAAGTTTAT
 ATGCTGAAGAGTCTGTTTGAAGATAAGAGGAAAAAGTAGAACTTAAACTCCAACTAGAGTACGTAACATTGAAA
 AATGAGGCATAAAATGCAATAAACTGTTACAGTCAAGACCATTAAATGGTCTTCTCCAAATATTTTGAGATATA
 AAAGTAGGAAACAGGTATAATTTTAATGTGAAAATTAAGTCTTCACTTTCTGTGCAAGTAATCCTGCTGATCCAG
 TTGTACTTAAGTGTGTAACAGGAATATTTTGCAAGATATAGGTTAACTGAATGAAGCCATATTAATACTGCAT
 TTTCTTAACCTTTGAAAAATTTGCAATGTCTTAGGTGATTTAAATAAATGAGTATTGGGCCTAATTGCAACACC
 AGTCTGTTTTTAAACAGGTTCTATTACCCAGAAGCTTTTTGTAAATGCGGCAGTTACAAATTAACGTGGAAGTTT
 TCAGTTTTAAGTTATAAATCACCTGAGAATTACCTAATGATGGATTGAATAAATCTTTAGACTACAAAAGCCCAA
 CTTTTCTCTATTTACATATGCATCTCTCTATAATGTAAATAGAATAATAGCTTTGAAATACAATTAGGTTTTTG
 AGATTTTTTATAACCAATACATTTTCACTGTAAATATAGCAGAAAGCATTAGTCTTTGTACTTTGCTTACATTC
 CCAAAGCTGACATTTTACGATTTTAAAAACACAAAGTTACACTTACTAAAATTAGGACATGTTTTCTCTTTG
 AAATGAAGAATATAGTTTAAAGCTTCTCTCCATAGGGACACATTTTCTTAACCTTAACATAAGTGTAGGA
 CTTTAAATTAATGTGAGGTAAATAAGTTTATTTTTTAATAGTATCTGTCAAGTTAATATCTGTCAACAGTTAA
 TAATCATGTTATGTTAATTTTAAATGATTGCTGACTTGGATAAATCATTATTACCAGCAGTTATGAAGGAAATA
 TTGCTAAATGATCTGGGCCTACCATAAATAAATATCTCTTTTCTGAGCTCTAAGAATTATCAGAAAACAGGAA
 AGAATTTAGAAAACTTGAGAAAACCTAATCCAAATAAAATTAACCTTAAGTAGAACTATAAATAAATATCTAGA
 ATCTGACTGGCTCATCATGACATCCTACTCATAACATAAATCAAAGGAGATGATTAATTTCCAGTTAGCTGGAAG
 AAATTTGGCTGTAGGTTTTTATTTTCTACAAGAAATCTGGTTTGAATTATTTTTGTAAGCAGGTACATTTTATA
 AAATGTAAGCCCTACTGTAAGGTTTAGCACTGGGTGTACATATTTATTAATAAATTTTTATTATAACAACCTTTAT
 TAAATGGCCTTTCTGAACACTTTATTTATTGATGTTGAAGTAAGGATTAGAAAACATAGACTCCCAAGTTTTAAA
 CACCTAAATGTGAATAACCCATATATACAACAAAGTTTCTGCCATCTAGCTTTTTGAAGTCTATGGGGGTCTTAC
 TCAAGTACTAGTAATTTAATCTCATGAATGAACATAATTTTAAAGTTATGCCCATTATATAACGTTGTTTTAT
 GACTACATTGTGAGTTAGAAACAACTTAAATTTGGGGTATAGAACCCCTCAACAGGTAGTAATGCTGGAATT
 CTTGATGAGCAATATGATAACAGAGAGTGAATTCATTTACACTCATAGTAGTATAAAAAGAGATACATTTCCC
 TCTTAGGCCCCCTGGGAGAGAGCAGCTTAGATTTCCCTACTGGCAAGGTTTTTAAATAAGGTAATGCCGTAT
 ATGATCAATTACCTTAATTGGCCAAGAAAATGCTTCAGGTGTCTAGGGGTATCCTCTGCAACACTTGCAGAACAA
 AGGTCAATAAGATCCTTGCCTATGAATACCCCTCCCTTTTGCCTGTAAATTTGCAATGAGAAGCAAATTTACA
 GTACCATAACTAATAAGCAGGGTACAGATATAAACTACTGCATCTTTTCTATAAACTGTGATTAAGAATCTTA
 CCTCTCCTGTATGGCTGTTACTGTACTGTACTCTCTGACTCCTTACCTAACAATGAATTTGTTACATAATCTTCT
 ACATGTATGATTTGTGCCACTGATCTTAAACCTATGATTAGTAACCTTCTTACCATATAAAAACGATAATTGCTT
 TATTTGGAAAAGAATTTAGGAATACTAAGGACAATTTATTTTTATAGACAAAGTAAAAAGACAGATATTTAAGAGG
 CATAACCAAAAAAGCAAACCTGTAAACAGAGTAAAAATCTTTAATATTTCTAAAGACATACTGTTTATCTGCTT
 CATATGCTTTTTTTAATTTCACTATTCCATTTCTAAATTAAGTTATGCTAAATTGAGTAAGCTGTTTATCACTT
 AACAGCTCATTTTGTCTTTTTCAATATACAAATTTTAAAAATACTACAATATTTAATAAGGCCCAACCGATTTT
 CATAATGTAGCAGTTACCGTGTTCACCTCACACTAAGGCCTAGAGTTTGTCTGATATGCATTTGGATGATTAAT
 GTTATGCTGTTCTTTTATGTGAATGTCAAGACATGGAGGGTGTGTAATTTTATGGTAAATTAATCCTTCTTA
 CACATAATGGTGTCTTAAATTTGACAAAAATGAGCACTTACAATTTGTATGTCTCCTCAATGAAGATTCTTTAT
 GTGAAATTTTAAAGACATTGATTCGCATGTAAGGATTTTTCATCTGAAGTACAATAATGCACAATCAGTGTG
 CTCAAAGTCTTTTATACTTATAAACAGCCATCTTAAATAAGCAACGTATTGTGAGTACTGATATGTATATAATAA
 AAATTATCAAAGGAAAA

[illegible]

```
><subunit 1 of 1, 229 aa, 1 stop
```

MGDKIWLPPFPVLLLAALPPVLLPGAAGFTPSLSDSDFTFTLPAQKQECFYQPMPLKASLEIEY
QVLGDAGLDIDFHLASPEGKTLVFEQRKSDGVHTVETEVGDYMFCDNTFSTISEKVIFFEL
ILDNMGEQAQEQEDWKKYITGTDILDMKLEDILESINSIKSRLSKSGHIQILLRAFEARDN
IQESNFDVRVNFWSMVNLVVMVVVSAIQVYMLKSLFEDKRKSRT

Signal peptide:

Transmembrane domain:

amino acids 195-217

N-myristoylation site.

amino acids 43-48

Tyrosine kinase phosphorylation site.

amino acids 55-62

FIGURE 182

CCATCCCTGAGATCTTTTTATAAAAAACCCAGTCTTTGCTGACCAGACAAAGCATAACCAGAT
CTCACCAGAGAGTCGCAGACACTATGCTGCCTCCCATGGCCCTGCCCAGTGTGTCTTGGATG
CTGCTTTCCTGCCTCATTCTCCTGTGTCTCAGGTTCAAGGTGAAGAAACCCAGAAGGAACTGCC
CTCTCCACGGATCAGCTGTCCCAAAGGCTCCAAGGCCTATGGCTCCCCCTGCTATGCCTTGT
TTTTGTACCAAATCCTGGATGGATGCAGATCTGGCTTGCCAGAAGCGGCCCTCTGGAAAA
CTGGTGTCTGTGCTCAGTGGGGCTGAGGGATCCTTCGTGTCTCCTCCCTGGTGAGGAGCATTAG
TAACAGCTACTCATACTCTGGATTGGGCTCCATGACCCACACAGGGCTCTGAGCCTGATG
GAGATGGATGGGAGTGGAGTAGCACTGATGTGATGAATTACTTTGCATGGGAGAAAAATCCC
TCCACCATCTTAAACCCTGGCCACTGTGGGAGCCTGTCAAGAAGCACAGGATTTCTGAAGTG
GAAAGATTATAACTGTGATGCAAAGTTACCCTATGTCTGCAAGTTCAAGGACTTAGGGCAGGT
GGGAAGTCAGCAGCCTCAGCTTGGCGTGCAGCTCATCATGGACATGAGACCAGTGTGAAGAC
TCACCCTGGAAGAGAATATTCTCCCCAACTGCCCTACCTGACTACCTTGTCATGATCCTCC
TTCTTTTTCCTTTTCTTCACCTTCATTTAGGCTTTTCTCTGTCTTCCATGTCTTGAGATC
TCAGAGAATAATAATAAAAAATGTTACTTTATAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA

499282660